

(19)



Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets

(11)

Veröffentlichungsnummer:

**0 305 760
A2**

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(21)

Anmeldenummer: 88112661.9

(51)

Int. Cl. 4: C07K 3/22 , //C07K7/40

(22)

Anmeldetag: 04.08.88

Die Bezeichnung der Erfindung wurde geändert
(Richtlinien für die Prüfung im EPA. A-III. 7.3).

(30)

Priorität: 11.08.87 DE 3726655

(43)

Veröffentlichungstag der Anmeldung:
08.03.89 Patentblatt 89/10

(54)

Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE ES FR GB GR IT LI LU NL SE

(71)

Anmelder: HOECHST AKTIENGESELLSCHAFT
Postfach 80 03 20
D-6230 Frankfurt am Main 80(DE)

(72)

Erfinder: Dörschug, Michael, Dr.
Sonnenleite 20
D-4630 Bochum(DE)
Erfinder: Obermeier, Rainer, Dr.
Langenhainer Weg 14
D-6234 Hattersheim am Main(DE)

(54)

Verfahren zur Isolierung basischer Proteine aus Proteingemischen.

(57)

Basische Proteine werden aus Proteingemischen, welche solche basischen Proteine enthalten und welche erhalten werden durch enzymatische Spaltung von Proinsulin und/oder dessen Derivaten natürlicher, semisynthetischer oder gentechnischer Herkunft, durch Ionenaustauscherchromatographie an stark sauren Kationenaustauschern isoliert.

EP 0 305 760 A2

Verfahren zur Isolierung basischer Proteine aus Proteingemischen, welche solche basischen Proteine enthalten

Bei der Herstellung von Humaninsulin mit gentechnischen Methoden erfolgt die Biosynthese des Insulins über ein Vorläufermolekül, das Proinsulin. In diesem ist die B-Kette durch das C-Peptid (= Connecting Peptide) mit der A-Kette verknüpft. Bei der gentechnischen Produktion mittels *Escherichia coli* erhält man mitunter zunächst ein Fusionsprotein, bei dem dem Proinsulin noch ein Fremdprotein, z.B. β -Glactosidase, vorgeschaltet ist. Dieses Fremdprotein muß vor der weiteren Aufarbeitung zunächst abgespalten werden, z.B. durch die Behandlung mit Halogencyan (vgl. DE-OS 34 40 988). Nach der Halogenacyanospaltung werden Cysteinreste durch Sulfitolyse (Behandlung mit Natriumsulfit und Natriumtetrathionat) in ihre S-Sulfonatform überführt. Das Molekül kann aus dieser Form durch reduktive Rückfaltung (z.B. durch Behandlung mit Mercaptoethanol in basischer Lösung) unter korrekter Ausbildung seiner Disulfidbrücken in seine native Raumstruktur überführt werden. Das Proinsulin bzw. Präproinsulin (= Derivat des Proinsulins; die Vorsilbe "Prä" bezieht sich auf eine oder mehrere zusätzliche Aminosäuren am N-Terminus des Proinsulins) wird durch enzymatische Spaltung (z.B. mit Trypsin) in ein Spaltungsgemisch überführt, das einen Insulinvorläufer, das Insulin-Arg-B31-B32, und das C-Peptid enthält. Neben diesen entstehen noch einige Nebenprodukte, wie z.B. Insulin-Des-Thr-B30, Insulin-Arg-B31 sowie unvollständig gespaltene Intermediate.

Die genannten Insulinderivate und Verbindungen, die durch die chemische Behandlung des Ausgangsmaterials in Vorstufen entstehen, müssen voneinander getrennt werden. Besonders schwierig ist es hierbei, Insulinderivate basischen Charakters abzutrennen, die Derivatisierungen an Aminosäuren aufweisen, die nach Ausbildung der Tertiärstruktur im Inneren des Moleküls liegen.

Dies zeigt sich in einem Vergleichsversuch (s. Teil B): Das Anionenaustauscherverfahren, das in der DE-PS 26 29 568 beschrieben und für die Reinigung von Insulin entwickelt worden ist, weist die Besonderheit auf, daß zur Vermeidung von Proteinaggregationen der Elutionsflüssigkeit ein nichtionisches Tensid zugegeben wird. Dieses Verfahren, das zur Reinigung von Insulinen gut geeignet ist, führt beim Versuch der Trennung und Isolierung von basischen Proteinen, die z.B. durch tryptische Spaltung von Proinsulin gentechnischer Herkunft erhalten werden, zu einer völlig unzureichenden Trennung. Dies wird durch das entsprechende Elutionsprofil (s. Teil B) verdeutlicht; man erkennt, daß die Peaks für die einzelnen Peptide ineinander übergehen.

Es sind auch bereits Verfahren bekannt, mit denen die Auftrennung der genannten Proinsulin-Spaltungsprodukte erreicht werden soll.

Steiner et al. berichten im "Journ. of Biol. Chem.", 246, pp. 1365-1374 (1971) über ein Verfahren zur Isolierung von C-Peptid aus einem Proinsulinspaltungsgemisch. Bei diesem Verfahren (Ausbeuten werden nicht angegeben) wird über einen schwach sauren, Carboxymethylgruppen-haltigen (CM) Kationenaustauscher auf Cellulosebasis chromatographiert. Der Beladungs- und Elutionslösung werden hierbei 7 Mol/l Harnstoff zugesetzt, um eine Aggregation der Proteine zu vermeiden. Die Gegenwart derartig hoher Harnstoffkonzentrationen ist nachteilig, weil sie zur Derivatisierung von Proteinen, vor allem zur Carbamoylierung freier Aminogruppen führt. Markussen et al. beschreiben in "Protein Engineering" Vol. 1 No. 3, pp. 205-213 (1987) ein Anionenaustauscherchromatographie-Verfahren an Diethyl-2-hydroxypropylaminoethyl-haltigen (QAE) Anionenaustauschern auf einer Matrix aus dreidimensional vernetztem Polysaccharid-Netzwerk. Bei diesem Verfahren - für die Anionenaustauscherchromatographie werden keine Ausbeuten angegeben - wird zur Hemmung von Proteinaggregationen in 60 %iger Ethanolölösung gearbeitet. Ein Nachteil derartig konzentrierter Ethanolölösungen besteht in den nötigen Sicherheitsvorkehrungen, die insbesondere beim Arbeiten mit konzentrierten organischen Lösungsmitteln in technischem Maßstab nötig sind. Andererseits treten, wie sich beim Nacharbeiten zeigte, bei den genannten Alkoholkonzentrationen Denaturierungen der Proteine auf.

In dem Bestreben, ein besseres Trenn- und Isolierverfahren für basische Proteine aus - solche basischen Proteine enthaltenden - Proteingemischen bereitzustellen, wurde überraschenderweise gefunden, daß sich dieses Ziel durch Chromatographie der Proteingemische an einem stark sauren Kationenaustauscher und Elution mittels wäßrigem Alkanol mit nur einer relativ geringen Menge Alkanol erreichen läßt. Es ist besonders überraschend, daß sich damit gegenüber dem Stand der Technik sowohl die Trennleistung verbessern als auch die zusätzlichen Derivatisierungen der Proteine während der Trennung weitgehend vermeiden lassen. Bemerkenswerterweise können sogar Derivate abgetrennt werden, die - bei der Vorbehandlung des Proinsulins entstandene - Derivatisierungen im Inneren der in der Tertiärstruktur vorliegenden Proteine aufweisen. Aggregationen der zu trennenden Proteine werden nicht beobachtet. Die Wiederverwendbarkeit der Austauscher bereitet keine Schwierigkeiten.

Erfindungsgegenstand ist demzufolge ein Verfahren zur Isolierung basischer Proteine aus Proteingemischen, welche solche basischen Proteine enthalten und welche erhalten wurden durch enzymatische Spaltung von Proinsulin und/oder dessen Derivaten natürlicher, semisynthetischer oder gentechnischer Herkunft, durch Beladung eines Ionenaustauschers mit dem Proteingemisch und Elution, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß man als Ionenaustauscher einen stark sauren Kationenaustauscher verwendet und daß man die Elution mittels eines H_2O/C_1-C_4 -Alkanolgemisches, das ca. 10 bis 50 Vol.-%, vorzugsweise ca. 20 bis 40 Vol.-%, insbesondere ca. 30 Vol.-% Alkanol enthält, durchführt. Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren können aus Spaltungsgemischen beliebiger Proinsuline, bzw. von deren Derivaten, wie z.B. von Affenpräproinsulin, die basischen Proteine mit hohen Ausbeuten isoliert werden. Als Ionenaustauscher kommen im Prinzip alle stark sauren Kationenaustauscher in Frage. Bevorzugt sind stark saure Kationenaustauscher, deren funktionelle Gruppe die Sulfogruppe, insbesondere die Sulfopropylgruppe $-CH_2-CH_2-CH_2-SO_3H$, ist, z.B. auf einer Matrix aus hydrophilen Hydroxygruppen-haltigen Vinylpolymeren (z.B. ^(R)Fractogel TSK, Hersteller Fa. Merck, Darmstadt), Acryl-Copolymeren (z.B. SP ^(R)Trisacryl M, Hersteller Réactifs IBF, Villeneuve-la-Garenne, Frankreich) oder Gelen mit einem Anteil an vernetzter Agarose (z.B. S-^(R)Sepharose, Hersteller Fa. Pharmacia, Upsala, Schweden); besonders bevorzugt ist S-Sepharose.

Vor der Beladung des stark sauren Kationenaustauschers mit dem Spaltungsgemisch sollte derselbe mit einer Pufferlösung frisch equilibriert werden. Diese Pufferlösung besteht vorzugsweise aus einem Wasser/ C_1-C_4 -Alkanolgemisch, mit einem Alkanolgehalt von vorzugsweise ca. 10 bis 50 Vol.-%, besonders bevorzugt von ca. 20 bis 40 Vol.-%, insbesondere von ca. 30 Vol.-%. Bevorzugte Alkanole sind Ethanol und Isopropanol, insbesondere Isopropanol. Weitere Zusatzstoffe, die der Pufferlösung zugesetzt werden können, sind z.B. Salz, vorzugsweise physiologisch verträgliches Mineralsalz, eine oder mehrere beliebige organische Säuren, vorzugsweise Milchsäure, eine Base, vorzugsweise NaOH, und/oder Konservierungsstoffe. Der bevorzugte pH-Wert der Pufferlösung liegt zwischen ca. 2,5 und 5,5, besonders bevorzugt zwischen ca. 3,5 und 4,0.

Die Beladung des stark sauren Kationenaustauschers kann erfolgen, indem das Spaltungsgemisch in einer Pufferlösung - vorzugsweise mit der zuvor beschriebenen Zusammensetzung und dem zuvor beschriebenen pH-Wert - gelöst wird und die so erhaltene Lösung mit dem stark sauren Kationenaustauscher in Kontakt gebracht wird.

Die Elutionslösung, die im Prinzip eine ähnli-

che Zusammensetzung wie die zuvor beschriebene Pufferlösung haben kann, hat vorzugsweise einen pH-Wert von 3,5 bis 4,0. Besonders geeignet ist ein Elutionsverfahren, bei dem die Elutionslösung einen zeitlichen Salz-Konzentrationsgradienten mit vorzugsweise linearem Verlauf aufweist. Dieser Konzentrationsgradient kann z.B. angelegt werden, indem zu Beginn der Elution eine geringe Salzkonzentration (im Grenzfall gegen 0) in der Elutionslösung vorliegt und indem die Salzkonzentration während des Elutionsvorgangs gesteigert wird. Auf diese Weise kann eine besonders wirksame Trennung des Proteingemisches erreicht werden. Ein bevorzugter Salz-Konzentrationsgradient variiert von nahe 0 Mol Salz/l (zu Anfang der Elution) bis ca. 1 Mol Salz/l (zu Ende der Elution), besonders bevorzugt von ca. 0,15 (zu Anfang der Elution) bis ca. 0,35 Mol/l (zu Ende der Elution). Für den Salzzusatz kommen viele organische und anorganische Salze in Frage. Bevorzugt sind physiologisch verträgliche Salze wie Ammonium- und Alkalisalze, besonders bevorzugt Natriumsalze, insbesondere Natriumchlorid.

Das erfindungsgemäße Trennverfahren kann auf unterschiedliche Weise durchgeführt werden. Zu bevorzugen ist die Durchführung im Säulenverfahren oder im Batchverfahren. Die Temperatur, die bei der Ionenaustauscherchromatographie vorzugsweise konstant zu halten ist, kann in einem weiten Bereich variiert werden. Vorzuziehen ist ein Temperaturintervall von ca. $-10^{\circ}C$ bis ca. $50^{\circ}C$, insbesondere von ca. 15 bis ca. $25^{\circ}C$.

Durch das nachfolgende Ausführungsbeispiel (A) soll die Erfindung näher erläutert werden. Durch den daran anschließenden Vergleich (B) soll die Überlegenheit des erfindungsgemäßen Verfahrens gegenüber einem Verfahren zur Insulinreinigung gemäß dem Stand der Technik (DE-PS 26 29 568) gezeigt werden.

A) Ausführungsbeispiel

(erfindungsgemäß)

6 l S-Sepharose werden in einer wäßrigen Pufferlösung, die 50 mmol/l Milchsäure, 30 % Isopropanol und 1 Mol/l Natriumchlorid enthält und deren pH-Wert bei ca. 3,5 liegt, aufgeschlämmt und ca. 80 cm hoch in eine Säule mit 10 cm Durchmesser gefüllt. Die Säule wird mit 10 l wäßriger Startpufferlösung (50 mmol/l Milchsäure, 30 % Isopropanol, 0,15 Mol/l Natriumchlorid, pH ca. 3,5) äquilibriert. 15 g kristallisiertes Spaltungsgemisch, das 6,2 g Insulin-Arg-B31-32, 3 g Insulin-Arg-B31 und Insulin-Des-Thr-B30 sowie unbekannte Spaltungsintermediate sowie Derivate enthält, entstanden aus tryptischer Spaltung von Präprohumaninsulin, werden in 3 l Startpuffer gelöst und auf die Säule aufgetragen. Anschließend wird mit einer wäßrigen Lösung, enthaltend 50 mmol/l Milchsäure und 30 % Isopropanol bei einem pH-Wert von 3,5 (eingestellt mit

NaOH) und einem Gradienten von 0,15 Mol/l bis 0,35 Mol/l Natriumchlorid eluiert. Die Elutionslösung hat ein Volumen von 2 x 20 l. Die Durchflußgeschwindigkeit beträgt 1,5 l/Stunde. Fraktionen, deren Insulin-Arg-B31-32-Gehalt laut HPLC (High Pressure Liquid Chromatography) über 90% ist, werden gesammelt, mit H₂O im Verhältnis 1:1 verdünnt und durch Zugabe von 10 ml 10 %iger ZnCl₂-Lösung/l Lösung und Einstellung auf pH 6,8 gefällt. Die Ausbeute beträgt 5 g Insulin-Arg-B31-32, was einer Stufenausbeute, bezogen auf Insulin-Arg-B31-32, von 80 % entspricht.

B) Vergleich

Vergleichsbeispiel I wurde gemäß DE-PS 26 29 568 und Beispiel II erfindungsgemäß durchgeführt. In Tabelle 1 sind die Verfahrensparameter und die erzielten Ergebnisse gegenübergestellt. Figur 1 zeigt das während der Elution aufgenommene Elutionsprofil des Vergleichsbeispiels I, Figur 2 dasjenige des erfindungsgemäßen Beispiels II. Es wurde die Absorption A im UV-Bereich bei einer Wellenlänge von 278 nm (A₂₇₈) gegen die Elutionszeit bzw. die Fraktions- Nrn. aufgetragen. Die Elutionsprofile zeigen, daß das erfindungsgemäße Verfahren zu einer besseren Trennung der basischen Proteine führt als das nach der DE-PS 26 29 568 durchgeführte Verfahren. Dementsprechend wird bei dem erfindungsgemäßen Verfahren auch eine höhere Produktausbeute und eine höhere Produktreinheit erzielt (s. Tabelle 1)

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

4

Tabelle 1

Vergleich Ionenaustauscherchromatographie

eines Proteingemisches, erhalten durch Behandlung von
Proinsulin (Affenproinsulin, gentechnisch mittels
E.coli hergestellt) mit Trypsin

I Vergleichsbeispiel gemäß DE-PS 26 29 568

Austauscher:

(R) TSK-DEAE-Anionenaustauscher
(funktionelle Gruppen: Diethylaminoethyl,
Matrix: hydroxylgruppenhaltiges Vinylpoly-
meres; Hersteller: Fa. Merck, Darmstadt)

II Erfindungsgemäß

S- (R) Sepharose-Kationenaustauscher
(funktionelle Gruppen: Sulfopropylgruppen;
Matrix: hydroxylgruppenhaltiges Gel mit einer
Anteil an vernetzter Agarose;
Hersteller: Fa. Pharmacia, Schweden)

Puffer, Gradient: Tris(hydroxymethyl)aminomethan/HCl
pH 9, 0.1-0.25 M NaCl

Milchsäure, pH 3.5, 0.15-0.35 M NaCl

Dissozierendes
Agens: 0.1 % Genapol SE 100
(Fettalkoholpolyglykolyäther, Hersteller:
Fa. Hoechst AG, Frankfurt)

30 % Isopropanol

Beladung: 1 g/l

3 g/l

Stufenausbeute: ca. 60 %

ca. 80 %

Reinheit: 80 - 85 %

90 - 95 %

Trennung: keine vollständige Trennung zw.
Insulin-Arg-B31-32, Insulin-Arg-B31
und basischen Verunreinigungen

Basislinientrennung zwischen
Insulin-Arg-Arg-B31-32,
Insulin-Arg-B31 und basischen
Verunreinigungen

Ansprüche

1. Verfahren zur Isolierung basischer Proteine aus Proteingemischen, welche solche basischen Proteine enthalten und welche erhalten wurden durch enzymatische Spaltung von Proinsulin und/oder dessen Derivaten natürlicher, semisynthetischer oder gentechnischer Herkunft, durch Beladung eines Ionenaustauschers mit dem Proteingemisch und Elution, dadurch gekennzeichnet, daß man als Ionenaustauscher einen stark sauren Kationenaustauscher verwendet und daß man die Elution mittels eines H_2O/C_1-C_4 -Alkanol-Gemisches, das ca. 10 bis 50 %, vorzugsweise ca. 20 bis 40 %, insbesondere ca. 30 % Alkanol enthält, durchführt.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man als stark sauren Kationenaustauscher einen solchen mit Sulfogruppen, insbesondere mit Sulfopropylgruppen verwendet.

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß man die Beladung des stark sauren Kationenaustauschers bei einem pH-Wert zwischen ca. 2,5 und 5,5, vorzugsweise zwischen ca. 3,5 und 4,0, durchführt.

4. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, daß das zur Elution benutzte H_2O/C_1-C_4 -Alkanol-Gemisch als C_1-C_4 -Alkanol Ethanol oder Isopropanol, insbesondere Isopropanol, enthält.

5. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß man den pH-Wert der Elutionslösung auf ca. 3,5 bis 4,0 einstellt.

6. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß die Beladungs- und Elutionslösung eine Puffersubstanz, bevorzugt auf Basis einer organischen Säure, insbesondere Milchsäure, enthält.

7. Verfahren nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, daß mit einem Ammonium- oder Alkalisalzgradienten zwischen ca. 0 bis 1 Mol/l, insbesondere mit ca. 0,15 bis 0,35 Mol/l, eluiert wird.

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

